

MODEL STOKASTIK *SUSCEPTIBLE INFECTED RECOVERED* (*SIR*)

Felin Yunita¹, Purnami Widyaningsih², Respatiwiulan³

Jurusan Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Universitas Sebelas Maret Surakarta
felinyunita@yahoo.com

Abstrak

Model *susceptible infected recovered (SIR)* menjelaskan penyebaran penyakit dari individu *susceptible* menjadi *infected*, kemudian individu *infected* akan sembuh (*recovered*) dan tidak terinfeksi kembali karena memiliki kekebalan. Penyebaran penyakit dapat dipandang sebagai kejadian random yang bergantung pada variabel waktu sehingga disebut proses stokastik. Perubahan banyaknya individu *susceptible*, *infected*, dan *recovered* merupakan proses stokastik dalam selang waktu dan variabel random kontinu sehingga dapat dijelaskan dengan model stokastik *SIR*.

Tujuan penulisan ini adalah menurunkan model stokastik *SIR*. Model stokastik *SIR* disimulasikan dengan mengambil laju kontak β , laju kesembuhan γ , dan individu awal yang terinfeksi $I(0)$ yang berbeda. Hasil simulasi menunjukkan bahwa jika semakin besar nilai β maka puncak epidemi semakin tinggi dan semakin besar nilai $I(0)$ maka puncak epidemi juga semakin tinggi. Akan tetapi jika semakin besar nilai γ maka puncak epidemi semakin rendah.

Kata kunci: model *SIR*, model stokastik.

A. PENDAHULUAN

Penyakit menular seperti *measles* (campak), hepatitis, *smallpox*, dan *poliomyelitis* (polio) merupakan penyakit yang disebabkan oleh virus yang dapat menyebar melalui kontak langsung, udara, batuk, dan bersin. Penyakit ini perlu diwaspadai karena dapat mengakibatkan komplikasi, kerusakan organ tubuh, cacat, kelumpuhan bahkan kematian.

Pada beberapa penyakit, individu yang telah sembuh dari infeksi akan memiliki kekebalan terhadap penyakit tersebut dalam tubuhnya sehingga individu tersebut tidak berpotensi untuk terinfeksi kembali. Menurut Hethcote [3], model matematika yang dapat digunakan untuk menggambarkan pola penyebaran penyakit dengan karakteristik tersebut adalah model *susceptible infected recovered (SIR)*.

Sebagaimana yang ditulis Parzen [5], perubahan banyaknya *individu susceptible*, *infected* dan *recovered* pada suatu populasi tidak dapat diketahui dengan pasti. Hal tersebut menunjukkan bahwa penyebaran penyakit merupakan suatu kejadian random yang bergantung pada variabel waktu dan berkaitan dengan probabilitas sehingga bisa disebut proses stokastik. Dengan demikian, model yang dapat menggambarkan peristiwa tersebut yaitu model stokastik *SIR*. Model tersebut mengkaji perubahan banyaknya individu *susceptible*, *infected* dan *recovered* dalam selang waktu kontinu.

Pada penelitian ini penulis menurunkan ulang model stokastik *SIR* dan melakukan penerapan dan simulasi model stokastik *SIR*. Penelitian ini diharapkan dapat menambah pengetahuan mengenai model stokastik dalam hubungannya dengan penyebaran penyakit, khususnya *SIR*.

B. PEMBAHASAN

1. Model Stokastik SIR

Menurut Hethcote [3] populasi pada SIR dibagi menjadi tiga kelompok yaitu kelompok individu rentan penyakit atau *susceptible* (S), kelompok individu yang terinfeksi dan dapat menyebarkan penyakit ke sejumlah individu lain atau *infected* (I) dan kelompok individu yang sudah sembuh atau *recovered* (R). Banyaknya individu pada kelompok S , I dan R pada waktu t dinyatakan sebagai $S(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$. Berikut adalah asumsi yang digunakan pada model SIR menurut Hethcote [3].

- Populasi tertutup dan jumlah individu pada populasi konstan N .
- Populasi bercampur secara homogen.
- Laju kelahiran dan laju kematian diabaikan, sehingga model hanya dipengaruhi laju kontak dan laju kesembuhan.
- Hanya satu penyakit yang menyebar dalam populasi.

Penurunan ulang model stokastik SIR mengacu pada Allen [2]. Banyaknya individu *susceptible* dan *infected* pada waktu yang akan datang hanya dipengaruhi banyaknya individu *susceptible* dan *infected* pada saat ini. Kejadian ini menunjukkan bahwa penyebaran penyakit merupakan suatu proses Markov. Penyebaran penyakit dengan karakteristik tersebut dapat digambarkan dengan model *continuous time Markov chain (CTMC) SIR*.

Dalam penelitian ini terdapat asumsi tambahan yaitu perubahan banyaknya individu *susceptible* dan *infected* mengikuti proses Wiener yang merupakan proses stokastik $W(t)$. Sehingga, perubahan banyaknya individu *susceptible* dan *infected* dapat dipandang sebagai proses stokastik. Model stokastik diturunkan ulang berdasarkan asumsi-asumsi tersebut.

Dimisalkan banyaknya individu S saat t adalah s dan banyaknya individu I saat t adalah i . Banyaknya individu *susceptible* dan *infected* dapat berubah setiap waktu dalam interval waktu $t = [0, \infty)$. Jika besarnya perubahan individu S pada selang waktu Δt yaitu k dan besarnya perubahan individu I pada selang waktu Δt yaitu j , maka perpindahan dari *state* s ke $s + k$ dan dari *state* i ke $i + j$ disebut transisi. Probabilitas perubahan banyaknya individu *infected* dari *state* s ke *state* $s + k$ dan dari *state* i ke *state* $i + j$ pada selang waktu Δt disebut probabilitas transisi yang dapat dituliskan sebagai

$$p_{(s,i),(s+k,i+j)}(\Delta t) = \text{Prob}[(S(t + \Delta t), I(t + \Delta t)) = (s + k, i + j) | S(t), I(t) = (s, i)]. \quad (2.1)$$

Transisi terjadi pada selang waktu $\Delta t \rightarrow 0$ dan diasumsikan hanya ada satu individu yang bertransisi dari *state* (s, i) ke $(s + k, i + j)$. Oleh karena itu, ada tiga kemungkinan transisi yang terjadi yaitu dari *state* (s, i) ke *state* $(s - 1, i + 1)$, dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i - 1)$, dan dari *state* (s, i) ke *state* (s, i) .

Pada saat individu bertransisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s - 1, i + 1)$ terjadi perpindahan satu individu dari kelompok S ke I . Jika β adalah laju kontak dan terdapat sebanyak s individu *susceptible* yang melakukan kontak dengan individu *infected*, maka probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s - 1, i + 1)$ adalah

$$p_{(s,i),(s-1,i+1)} = \beta \frac{si}{N} \Delta t + o(\Delta t). \quad (2.2)$$

Pada saat terjadi transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i - 1)$ berarti banyaknya individu *infected* berkurang satu. Pengurangan satu individu tersebut terjadi karena adanya kesembuhan alami dengan laju kesembuhan sebesar γ . Sehingga probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i - 1)$ adalah

$$(2.3)$$

$$p_{(s,i),(s,i-1)} = \gamma i \Delta t + o(\Delta t).$$

Pada saat individu *infected* tetap berada pada *state* (s, i) berarti tidak terjadi penambahan maupun pengurangan banyaknya individu *infected*. Sehingga besarnya probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* (s, i) adalah

$$p_{(s,i),(s,i)} = 1 - \left(\beta \frac{si}{N} + \gamma i \right) \Delta t + o(\Delta t). \quad (2.3)$$

Perpindahan individu dari suatu *state* ke *state* yang lain pada selang waktu yang sangat kecil hanya dimungkinkan terdapat satu individu yang bertransisi. Kemungkinan banyaknya individu yang bertransisi lebih dari atau sama dengan dua sangatlah kecil. Sehingga besarnya probabilitas transisi dengan banyaknya individu yang bertransisi lebih dari atau sama dengan dua dalam selang waktu Δt adalah $o(\Delta t)$. Persamaan (2.2), (2.3), dan (2.4) dapat dituliskan dalam suatu sistem persamaan

$$p_{(s,i),(s+k,i+j)}(\Delta t) = \begin{cases} \frac{\beta si}{N} \Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (-1, 1) \\ \gamma i \Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (0, -1) \\ 1 - \left(\beta \frac{si}{N} + \gamma i \right) \Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (0, 0) \\ o(\Delta t), & \text{yang lain.} \end{cases} \quad (2.5)$$

Perubahan banyaknya individu mengikuti proses Wiener. Diasumsikan bahwa ΔS dan ΔI berdistribusi normal sehingga dapat dituliskan $\Delta S(t) \sim N(\mu(S)\Delta t, \sigma^2(S)\Delta t)$ dan $\Delta I(t) \sim N(\mu(I)\Delta t, \sigma^2(I)\Delta t)$. Menurut Allen [2], model stokastik *SIR* yang mengikuti proses Wiener dapat ditulis

$$dS = \mu(t, S(t))dt + \sigma(t, S(t))dW(t) \quad (2.6)$$

$$dI = \mu(t, I(t))dt + \sigma(t, I(t))dW(t)$$

Model stokastik (2.6) dapat disajikan sebagai

$$dX = \mu(t, X(t))dt + \sigma(t, X(t))dW(t) \quad (2.7)$$

dengan

$$X(t) = \begin{pmatrix} S(t) \\ I(t) \end{pmatrix}, \quad \mu(t, X(t)) = \begin{pmatrix} \mu(t, S(t)) \\ \mu(t, I(t)) \end{pmatrix}, \text{ dan } \sigma(t, X(t)) = \begin{pmatrix} \sigma(t, S(t)) \\ \sigma(t, I(t)) \end{pmatrix},$$

yang merupakan fungsi bernilai real serta $W(t)$ merupakan suatu proses Wiener.

Model stokastik (2.7) memerlukan nilai $\mu(t, X(t))$ dan $\sigma(t, X(t))$ yang masing-masing merupakan mean dan standar deviasi $X(t)$ (Allen [1]). Nilai-nilai tersebut diperoleh berdasarkan perubahan *state* dan probabilitas transisi (2.5).

Model stokastik *SIR* pada penelitian ini hanya memperhatikan variabel S dan I sehingga perubahan *state* yang diperhatikan adalah perubahan dari *state* (s, i) ke *state* $(s - 1, i + 1)$ dan perubahan dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i - 1)$. Berdasarkan persamaan (2.5), besar probabilitas transisi untuk perubahan *state* $(k, j) = (-1, 1)$ adalah $\frac{\beta si}{N}$ dan probabilitas transisi untuk

perubahan $state (k, j) = (0, -1)$ sebesar γi . Nilai mean dapat diketahui dengan menghitung perkalian antara probabilitas transisi dan perubahan $state$. Untuk menghitung standar deviasi, terlebih dahulu menghitung nilai variansi yaitu perkalian probabilitas transisi dan kuadrat dari perubahan $state$ sehingga diperoleh mean dan standar deviasi yaitu

$$E[\Delta X] = \begin{pmatrix} -\frac{\beta si}{N} \\ \frac{\beta si}{N} - \gamma i \end{pmatrix} \text{ dan } \sigma(\Delta X) = \begin{pmatrix} -\sqrt{\frac{\beta si}{N}} & 0 \\ \sqrt{\frac{\beta si}{N}} & -\sqrt{\gamma i} \end{pmatrix},$$

dengan $\Delta X = (\Delta S, \Delta I)$ yaitu perubahan banyaknya individu *susceptible* dan *infected*. Dengan demikian, diperoleh model stokastik *SIR* yaitu

$$\begin{aligned} dS &= -\frac{\beta SI}{N} dt - \sqrt{\frac{\beta SI}{N}} dW_S(t) \\ dI &= \left(\frac{\beta SI}{N} - \gamma I\right) dt + \sqrt{\frac{\beta SI}{N}} dW_S(t) - \sqrt{\gamma I} dW_I(t) \end{aligned} \quad (2.8)$$

2. Penerapan dan Simulasi

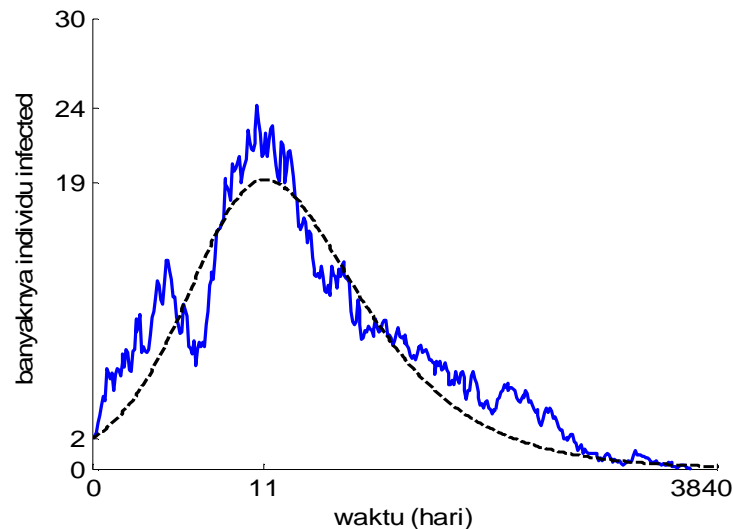
Menurut Hethcote [3], cacar air adalah salah satu contoh penyakit dengan tipe penyebaran *SIR*. Cacar air merupakan suatu penyakit akut dengan daya penularan tinggi yang disebabkan karena virus dan dapat menyebabkan penyakit luar biasa serta menyebar dengan cepat. Penyakit ini mudah ditularkan melalui udara, makanan, dan bersentuhan langsung dengan luka yang diakibatkan oleh penyakit ini.

Pada bagian ini diberikan penerapan model (2.8) pada penyakit cacar air. Parameter untuk model tersebut diambil dari Johnson 4 Pada penerapan ini ingin diketahui perilaku penyebaran penyakit cacar air dengan nilai laju kontak $\beta = 0.65$ per hari dan laju kesembuhan penyakit $\gamma = 0.3$ per hari dengan $N = 100$. Dengan demikian, model (2.8) dapat dituliskan sebagai

$$dS = -0.0065 SI dt - \sqrt{0.0065 SI} dW_S(t) \quad (2.8)$$

$$dI = (0.0065 SI - 0.3 I) dt + \sqrt{0.0065 SI} dW_S(t) - \sqrt{0.3 I} dW_I(t)$$

Proses Wiener pada persamaan (2.8), yaitu $dW_S(t)$ dan $dW_I(t)$, didekati dengan $\varepsilon\sqrt{dt}$, ε merupakan suatu variabel random yang berdistribusi normal standar ($\varepsilon \sim N(0,1)$), dan diambil nilai $I(0) = 2$ dan $S(0) = 98$. Banyaknya individu *infected* dalam selang waktu $0 \leq t \leq 40$ dapat dilihat pada Gambar 1.



Gambar 1. Banyaknya individu *infected* pada $0 \leq t \leq 40$ dengan $\beta = 0.65$, $\gamma = 0.3$, $I(0) = 2$

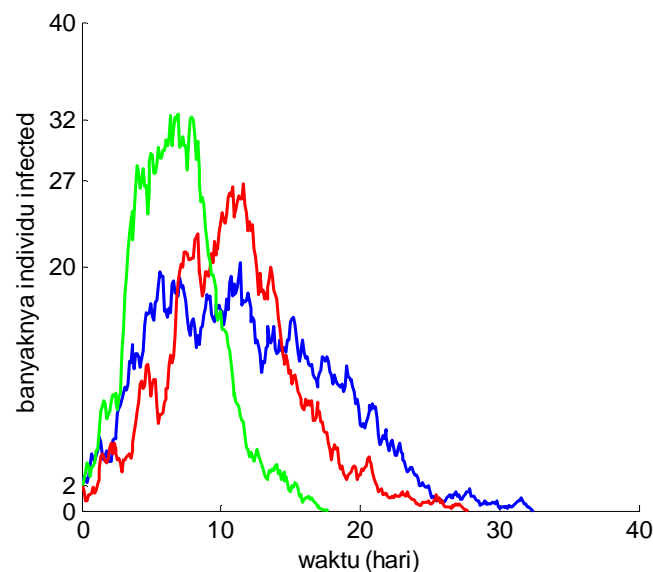
Garis berwarna biru menunjukkan banyaknya individu *infected* model stokastik. Dari garis tersebut terlihat bahwa dengan bertambahnya waktu banyaknya individu *infected* semakin bertambah. Kemudian setelah mencapai waktu t tertentu banyaknya individu *infected* menurun.

Peningkatan dan penurunan banyaknya individu *infected* pada model stokastik *SIR* tidak berupa garis yang mulus, tetapi berfluktuasi naik turun. Dari waktu $t = 0$ sampai $t = 11$, banyaknya individu *infected* meningkat dari 2 sampai mencapai maksimal yaitu 24. Saat $t = 11$ sampai $t = 32$, banyaknya individu *infected* menurun dari 24 sampai 0 dan kemudian tidak mengalami perubahan sepanjang waktu. Hal ini berarti bahwa penyakit tersebut sudah tidak menyebar.

Untuk melihat pengaruh β , γ , δ dan individu awal yang terinfeksi $I(0)$ terhadap perubahan banyaknya individu *infected*, model stokastik *SIR* pada persamaan (2.7) disimulasikan.

- 1) Nilai parameter $\gamma = 0.3$ dan nilai $\beta = 0.55, 0.65$, dan 0.75

Hasil simulasi ditunjukkan dengan Gambar 2. Garis berwarna biru menggambarkan penyebaran penyakit dengan $\beta = 0.55$, garis berwarna merah menggambarkan penyebaran penyakit dengan $\beta = 0.65$ dan garis berwarna hijau menggambarkan penyebaran penyakit dengan $\beta = 0.75$. Berdasarkan hasil simulasi pada Gambar 2, terlihat bahwa jika semakin besar nilai laju kontak (β) maka puncak epidemi semakin tinggi.



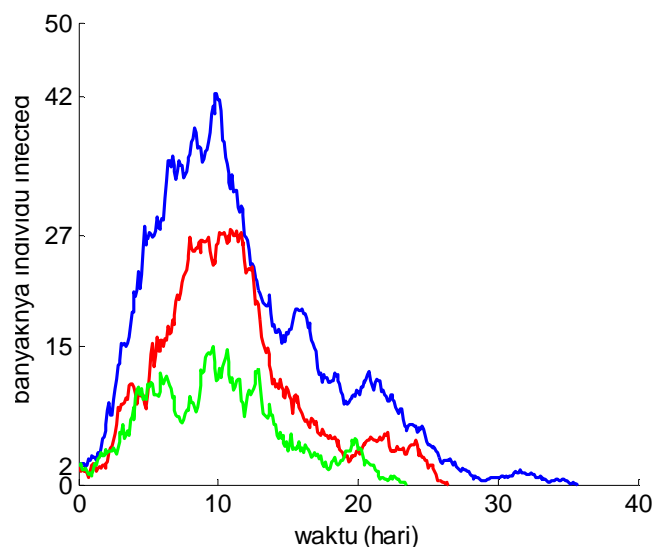
Gambar 2. Banyaknya individu *infected* pada $0 \leq t \leq 40$ dengan $\beta = 0.55, 0.65, \text{ dan } 0.75$, $\gamma = 0.3, I(0) = 2$

- 2) Nilai parameter $\beta = 0.65$ dan nilai $\gamma = 0.2, 0.3$, dan 0.4

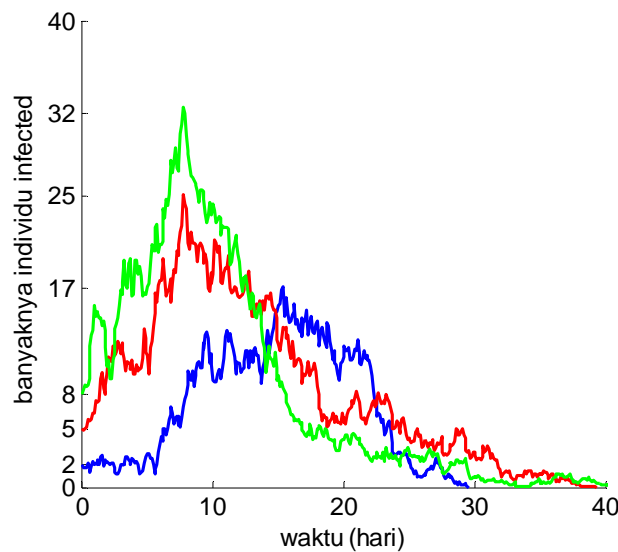
Hasil simulasi ditunjukkan dengan Gambar 3. Garis berwarna biru menggambarkan penyebaran penyakit dengan $\gamma = 0.2$, garis berwarna merah menggambarkan penyebaran penyakit dengan $\gamma = 0.3$ dan garis berwarna hijau menggambarkan penyebaran penyakit dengan $\gamma = 0.4$. Berdasarkan hasil simulasi pada Gambar 3, terlihat bahwa jika semakin besar nilai laju kesembuhan γ maka puncak epidemi semakin rendah.

- 3) Nilai parameter $\beta = 0.65$, $\gamma = 0.3$ dan nilai $I(0) = 2, 5$, dan 8

Hasil simulasi ditunjukkan dengan Gambar 4. Garis berwarna biru menggambarkan penyebaran penyakit dengan $I(0) = 2$, garis berwarna merah menggambarkan penyebaran penyakit dengan $I(0) = 5$, garis berwarna hijau menggambarkan penyebaran penyakit dengan $I(0) = 8$. Berdasarkan hasil simulasi pada Gambar 4, terlihat bahwa jika semakin besar nilai $I(0)$ maka puncak epidemi semakin tinggi.



Gambar 3. Banyaknya individu *infected* pada $0 \leq t \leq 40$ dengan $\beta = 0.65, \gamma = 0.2, 0.3, 0.4$ dan $I(0) = 2$



Gambar 4. Banyaknya individu *infected* pada $0 \leq t \leq 40$ dengan $\beta = 0.65, \gamma = 0.3, I(0) = 2, 5, \text{ dan } 8$

C. SIMPULAN

Dari pembahasan yang telah dilakukan, dapat diambil kesimpulan

1. Model stokastik *SIR* dinyatakan sebagai

$$dS = -\frac{\beta SI}{N} dt - \sqrt{\frac{\beta SI}{N}} dW_S(t)$$

$$dI = \left(\frac{\beta SI}{N} - \gamma I\right) dt + \sqrt{\frac{\beta SI}{N}} dW_S(t) - \sqrt{\gamma I} dW_I(t)$$

2. Simulasi menunjukkan bahwa jika semakin besar nilai β maka puncak epidemi semakin tinggi dan semakin besar nilai $I(0)$ maka puncak epidemi juga semakin tinggi, tetapi jika semakin besar nilai γ maka puncak epidemi semakin rendah.

D. DAFTAR PUSTAKA

- Allen, E. J. S., Allen, L. J. S., Arciniega, A., and Greenwood, P. E., *Construction of Equivalent Stochastic Differential Equation Models*, Stochastic Analysis and Applications (2008), no. 26, 274-297.
- Allen, L. J. S., *An Introduction to Stochastic Epidemic Models*, Mathematical Epidemiology (2008).
- Hethcote, H. W., *The Mathematics of Infectious Diseases*, SIAM Review **42** (2000), no. 4, 599-653.

Johnson, T., *Mathematical Modeling of Diseases : Susceptible-Infected-Recovered (SIR) Model*,
Math 4901 Senior Seminar (2009).

Parzen, E., *Stochastic Processes*, Holden-Day, Inc, United States of America, 1962,